植 物 分 类 学 报 38(2):111~120(2000)
Acta Phytotaxonomica Sinica

明党参的遗传多样性研究*

邱英雄 黄爱军 傅承新
(浙江大学生命科学学院生物系系统与进化植物学实验室 杭州 310029)

Studies on genetic diversity in *Changium smyrnioides* Wolff (Umbelliferae)

QIU Ying-Xiong HUANG Ai-Jun FU Cheng-Xin
(*Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany*, *Department of Biology*, *College of life Sciences*, *Zhejiang University*, Hangzhou 310029)

Abstract *Changium smyrnioides* Wolff is an endangered species of the monotypic genus *Changium* (Umbelliferae). For a better understanding of its genetic diversity, four populations of this species were cytologically and allozymically investigated. The karyotypic analysis of *C. smyrnioides* indicated that the chromosomal number was stable (2n = 20) in all populations. Karyotypes of the populations were all "2A" type. Karyotypical polymorphism was shown as the chromosomal heterozygosity, and position shift of the satellite. Genetic diversity of 4 populations was analysed with starch gel electrophoresis. A low level of allozymic diversity was estimated based on 19 loci of 10 enzyme systems. Genetic diversity within 4 populations was relatively low with the proportion of polymorphic loci (P) ranging from 19% to 42.9%, average number of alleles per locus (A) from 1.2 to 1.7, mean expected heterozygosity (H_e) 0.073 and mean observed heterozygosity (H_o) of 0.030. In general, about 58% of genetic variation were attributed to the differentiation among populations, while the remaining 42% resided within populations. The genetic diversity of the eastern populations was higher than that of the southwestern populations. On the basis of this studies, we thought that the habitat of *C. smyrnioides* should be protected and most of the populations should be sampled so as to retain as much genetic diversity as possible in *ex-situ* conversation.

Key words *Changium*; Karyotype; Allozyme; Genetic diversity; Conservation biology

摘要 对珍稀特有单种属植物明党参的4个居群的材料,从物种生物学及保护生物学的角度,对它们的遗传多样性进行了研究和分析。研究结果表明:各居群染色体数目恒定(2n = 20),核型类型均为2A型,居群间存在核型多型性,主要表现为染色体的杂合性及随体染色体的位置也有一定变化。采用淀粉凝胶电泳方法,分析了10个酶系统,获得19个基因位点的资料,分析结果表明:居群的遗传变异处于较低水平,多态性位点比率 $P = 33.35\%$,等位基因平均数 $A = 1.43$,等位酶基因多样度指数 $H_o = 0.03$, $H_e = 0.07$。总的基因位点变异中,有58%的变异来自于居群间,42%的变异存在于居群内,居群杂合体过量的位点仅为13%。偏东部居群的遗传多态性比西南部居群高。根据明党参居群遗传变异式样并结合相关研究,提出了其遗传多样性保护策略。

关键词 明党参属; 核型; 等位酶; 遗传多样性; 保护生物学

明党参 *Changium smyrnioides* Wolff 隶属我国特有的伞形科单种属 *Changium*,仅分布于我国华东地区的浙、皖、苏、鄂等省的局部地区,为我国著名的特产药材之一。近年来其分

* 浙江省自然科学基金资助项目(No. 397234)。
1998-12-12 收稿,1999-12-18 收修改稿。

布范围和数量正日益减少，1984 年该种已被国家列为三级珍稀濒危保护植物(张维平 1991)。在明党参的细胞学研究方面,潘泽惠等(1983)首次报道了南京紫金山野生居群的染色体核型,潘泽惠等(1995)对湖北咸宁居群的染色体核型进行了研究,并比较了两居群的核型不对称程度,对明党参的演化路线进行了探讨。有关明党参的植物化学、花粉形态学及生态地理分布等方面,一些学者也作过了一些研究工作(李祥等 1995，程翔等 1993，舒璞 佘孟兰 1990)。而对明党参的遗传多样性及保护生物学方面的研究至今仍未见报道。

生物多样性的保护最终是要保护其遗传多样性,因为一个物种的稳定性和进化潜力依赖其遗传多样性,而一个物种的经济和生态价值也依赖其特有的基因组成(王洪新 胡志昂 1996)。物种的遗传多样性可以从形态特征、细胞学特征、生理特征、基因位点及 DNA 序列等不同方面来体现。本文从细胞学和基因位点两个层次揭示了明党参遗传多样性及其分布规律,旨在为濒危植物的保护提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料来源

本文实验材料、采集地及生境见表 1。凭证标本存放在浙江大学生命科学学院植物标本室(ZAUH)。

表 1 明党参取样居群产地及生境

Table 1 The locality and habitat of sampled *Changium smyrnioides* populations

居群名称 Population code	地 点 Locality	生 境 Habitat	凭证标本 Vouchers
HZ	浙江杭州南高峰 Mt. Nangaofeng, Hangzhou, Zhejiang	稀疏常绿阔叶林下 in open evergreen broad-leaved forests	Y. X. Qiu 97409 Y. X. Qiu 97410
NJ	江苏南京老山 Mt. Laoshan, Nanjing, Jiangsu	常绿、落叶混交林下 in mixed evergreen-deciduous forests	Y. X. Qiu 97418 Y. X. Qiu 97419
LY	安徽滁州琅琊山 Mt. Langya, Chuzhou, Anhui	常绿、落叶混交林下 in mixed evergreen-deciduous forests	Y. X. Qiu 97415 Y. X. Qiu 97416
AQ	安徽安庆大龙山 Mt. Dalong, Anqing, Anhui	山坡灌草丛 in shrub grassland on slope	Y. X. Qiu 97423 Y. X. Qiu 97424
JX	江西九江珠岭山 Mt. Zhuling, Jiujiang, Jiangxi	竹林下或坟地旁 in bamboo grove or beside graveyard	Y. X. Qiu 97501 Y. X. Qiu 97502

1.2 染色体的制备及核型分析方法

1.2.1 染色体处理及制备方法

将各居群的明党参根种植于植物园实验地花盆中,切取根尖,放入 0.1%的秋水仙碱溶液中,在黑暗条件下预处理 4~5 h,用 Carnoy 溶液于室温下固定 24 h,盐酸:冰醋酸(1:1)解离 5 min,参照潘泽惠(1983)的改良苯酚品红染色压片法染色。

1.2.2 核型分析方法

选择染色体分散较好的分裂相进行显微照相，选用中期分裂相较为典型、着丝点清晰的5个细胞染色体照片进行计算取平均值。染色体类型按Levan(1964)方法分析。核型类型是根据Stebbins(1971)的分类标准划分。染色体长度比是指核型中最长与最短染色体长度的比值，它是核型不对称的指标之一。染色体统计按常规统计学方法进行。

1.3 酶的提取、电泳及统计方法

1.3.1 酶的提取

所用材料均直接采自野外，每个居群随机选择20株个体，每个植株取一枚小叶片加4～5滴提取缓冲液在冰浴中研磨提取。提取液按Soltis *et al*.(1983)的Tris-Maleate配方。沁子(Wicks)选用新华Ⅲ号滤纸，制成2 mm×6 mm大小，直接置入研磨后的提取液中，蘸取提取液后的沁子排放在培养皿中，作好标记，放在-70℃冷冻箱中保存备用。

表2 酶电泳检测所得酶系统、酶位点的数目和适用的凝胶系统

Table 2 The enzyme systems, number of enzyme loci and gel systems in the electrophoretic analysis

酶系统名称 Name of enzyme systems	缩写 Abbreviation	酶分类编号 E.C.No.	酶位点的数目 No. of loci	凝胶系统 Gel systems
磷酸葡萄糖异构酶 Phosphoglucoisomerase	PGI	E.C.5.3.1.90	2	Ⅵ
心肌黄酶 H-Diaphorase	DIA	E.C.1.6.2.20	1	Ⅵ
乙醇脱氢酶 Alcoholdehydrogenase	ADH	E.C.1.1.1.10	1	Ⅵ
莽草酸脱氢酶 Shikimate dehydrogenase	SKD	E.C.1.1.1.25	1	Ⅻ
苹果酸脱氢酶 Malate dehydrogenase	MDH	E.C.1.1.1.37	2	Ⅻ
异柠檬酸脱氢酶 Isocitrate dehydrogenase	IDH	E.C.1.1.1.42	2	Ⅻ
苹果酸酶 Malic enzyme	ME	E.C.1.1.1.40	4	Ⅻ
6-磷酸葡萄糖脱氢酶 6-Phosphogluconate dehydrogenase	PGD	E.C.1.1.1.44	2	Ⅻ
天冬氨酸转氨酶 Aspartate aminotransferase	AAT	E.C.2.6.1.10	2	Ⅻ
磷酸丙糖异构酶 Triose-phosphate isomerase	TPI	E.C.5.3.1.10	2	Ⅵ

1.3.2 电泳及染色

采用水平切片淀粉凝胶电泳技术，选用两种电极缓冲液和相应的凝胶缓冲液系统，分别用于不同酶系统染色(见表2)。电泳在4℃冰箱中进行，用200 V稳压，电泳5～6 h，待溴酚蓝移至电泳槽的顶端，停止电泳，切胶染色。AAT与AMP采用液染，其余酶系统均采用胶染。染色液配方采用Soltis等(1983)和王中仁(1996)使用的配方。染色后及时记录谱带和照相。我们分析了15种酶系统，从中筛选出10种谱带清晰的酶系统，确定了19个酶位点。

1.3.3 统计分析方法

通过对谱带的遗传学分析获得基因型频率,进而计算基因频率及下列参数:(1)多态位点百分率 P;(2)等位基因平均数 A;(3) 平均观测杂合度 H_o;(4)平均期望杂合度 H_e;(5)基因分化系数 F_{ST};(6)固定指数 F;(7)异交率 T;(8)居群间遗传一致度 I 和遗传距离 D。上述各项指标值的计算采用 BIOSYS-1(Swofford & Selander 1981)软件完成。

2 观察结果

2.1 明党参居群的核型分析

4 个居群的核型图见图 1, 核型参数见表 3。

表 3 不同居群的染色体参数

Table 3 The parameters of chromosomes in different populations

染色体 Chromosome	江西 JX			安庆 AQ			杭州 HZ			琅琊 LY			南京* NJ*		
No.	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC
1	13.06	1.62	m	13.07	1.68	m	12.95	1.39	m	13.89	1.25	m	13.27	1.74	sm
2	11.84	1.43	m	11.65	1.53	m(sat)	11.64	1.44	m	12.08	1.50	m	11.77	1.37	m
3	11.35	1.39	m	11.26	1.47	m	11.27	1.38	m	10.76	1.29	m	10.88	1.45	m
4	10.54	2.03	sm	10.52	1.32	m	10.44	2.23	sm	10.61	1.27	m	10.27	1.27	m
5	10.23	2.88	m	10.04	1.87	sm	10.00	1.56	m	10.05	1.44	m(sat)	9.79	1.42	m
6	9.95	3.02	st	9.64	1.29	m	9.71	1.45	m	9.52	1.76	sm	9.13	1.29	m
7	9.52	1.68	m	9.15	2.07	sm	9.28	1.30	m	9.16	2.00	sm	8.48	1.88	sm
8	8.92	1.52	m	8.84	1.62	m	9.01	1.80	m	8.60	1.11	m	9.94	3.56	st(sat)
9	8.64	3.25	st	8.42	2.87	sm	8.51	2.23	sm	8.17	2.14	sm	9.04	3.70	st
10	7.24	2.40	sm	7.40	3.52	st	7.33	2.37	sm	7.47	1.59	m	7.38	4.18	st

RL: relative length. AR: arm ratio. PC: position of centromere. sat: satellite. * cf. Pan Z-F(潘泽惠)(1983).

4 个居群的核型比较见表 4。根据 Stebbins(1971)核型分类标准划分,明党参各居群染色体的核型均为 2A 型。琅琊居群中发现有些个体的染色体核型为 2B 型,居群内存在一定的变异。经固定处理的染色体,压片观察可见染色体分节现象明显。南京居群及湖北咸宁居群的核型是根据潘泽惠(1995,1983)已报道的资料作统计分析(表 4)。

表 4 明党参各居群核型比较

Table 4 The comparison of karyotypes from different populations in *Changium smyrnioides*

居群 Population	核型公式 Karyotype formula	染色体长度比 Length ratio	平均臂比 Arm ratio	核型类型 Type
江西 JX	12m + 4sm + 4st	1.80	2.12	2A
安庆 AQ	12m + 6sm + 2st	1.77	1.92	2A
杭州 HZ	14m + 6sm	1.76	1.72	2A
琅琊 LY	14m + 6sm	1.85	1.54	2A
南京 NJ *	10m + 4sm + 6st	1.80	2.18	2A
咸宁 XN *	10m + 6sm + 4st	1.85	1.94	2A

* cf. Pan Z-F(潘泽惠)(1995,1983).

2.2 染色体的多态性

从表 4 可知,明党参不同居群的核型出现多型性现象,种内居群间核型有一定程度的

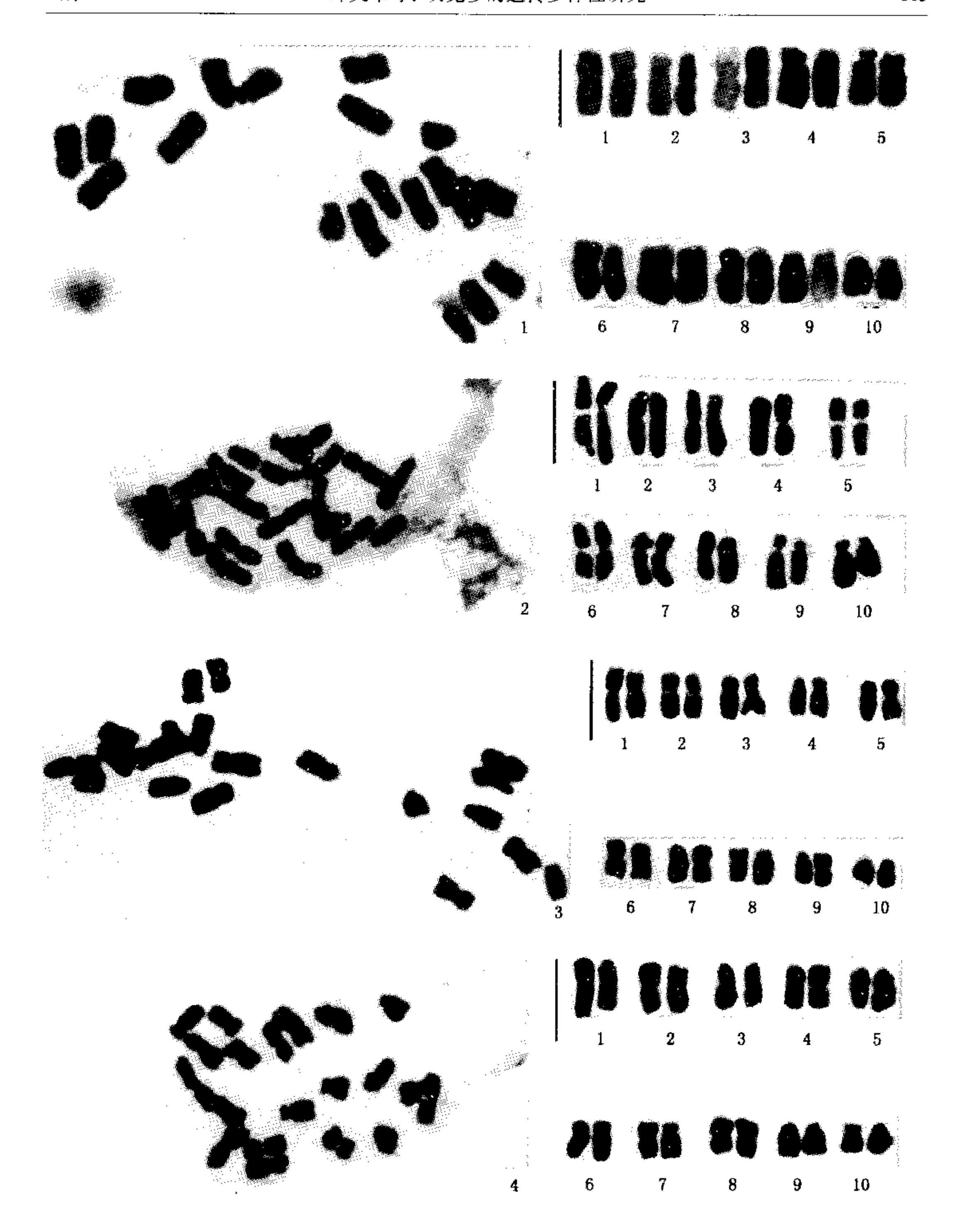


图 1 明党参 4 个居群的中期染色体及核型图(×2615) 1. 江西; 2. 安庆; 3. 杭州; 4. 琅琊.
Fig. 1 Metaphase chromosomes and karyogram of *C. smyrnioides* in four populations(×2615) 1. JX; 2. AQ; 3. HZ; 4. LY. Bar = 5 μm

分化。主要表现为染色体的多态性,即染色体的大小和类型的变异。同源染色体的杂合性具体表现为两同源染色体大小差异和臂比值的变异。明党参居群的同源染色体长度存在一定程度的差异,其中相对长度差异较大,以第1,2,9对同源染色体出现频率较高。从居群间比较看,以安庆和琅琊居群的同源染色体相对长度差异较大,两同源染色体相对长度差超过0.4,在安庆居群为第1,2,5,10对同源染色体,琅琊居群有第1,2,9对同源染色体。明党参居群内两同源染色体的臂比值和染色体类型也有差异,其中安庆居群的第15,16号同源染色体是由sm型染色体和st型染色体组成。第19,20号同源染色体是由m型染色体和st型染色体组成;杭州居群的第11,12号和第17,18号同源染色体是由sm型染色体和m型染色体组成,其它居群的同源染色体类型较为稳定。

不同居群的明党参染色体组中,每对染色体的臂比值也有相当程度的变异。居群间臂比变异系数较大的为第6,8,9,10对染色体(cv=0.41,0.50,0.24,0.37),因此它们的染色体类型变异大,其中第6,10对染色体在不同居群有m,sm和st 3种类型;第2,3对染色体臂比值的变异系数较小(cv=0.04,cv=0.05),染色体类型均为m型。

随体的位置在不同的居群也有差异,安庆居群在第2对染色体上,琅琊居群在第5对染色体上,南京居群在第8对染色体上。

2.3 基因水平的遗传结构及分化程度分析

明党参4个居群19个基因位点有14个是多态的,多态位点比率 P 为33.35%,每个位点等位基因平均数 A 为1.43个,观测杂合度 H_o 为0.03,预期杂合度 H_e 为0.07,固定指数 F 为0.66,异交率 T 为0.21(见表5)。比较4个居群的遗传多样性指标可知,杭州及南京居群的遗传多样性水平最高,安庆居群的遗传多样性水平最低。明党参4个居群的固定指数 F 值均大于零,表明居群中实际杂合体比率小于预期杂合体比率,居群中杂合度严重不足。

表5 明党参4个居群的遗传多样性度量指标(括号内为标准误差)

Table 5 Genetic diversity in 4 populations of *Changium smyrnioides* (standard errors in parenthesis)

居群 Population	个体数 (N)	等位基因平均数 (A)	多态位点百分比 (P)	平均观测杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	固定指数 (F)	近交系数 (T)
HZ	20	1.7 (0.2)	42.9	0.052 (0.025)	0.126 (0.039)	0.58	0.266
NJ	20	1.5 (0.1)	42.9	0.050 (0.036)	0.098 (0.032)	0.49	0.342
LY	20	1.3 (0.1)	28.6	0.017 (0.016)	0.046 (0.020)	0.64	0.220
AQ	20	1.2 (0.1)	19.0	0.012 (0.010)	0.023 (0.012)	0.95	0.026
平均值 (SE)	20	1.43	33.35	0.03	0.070	0.66	0.210

2.4 明党参居群的分化程度

表6给出了明党参4个居群14个多态位点的 F 统计分解值。F_{IS}表示各居群中基因型偏离Hardy-Weinberg期望比例的程度;F_{IT}表示将4个居群作为一个单位考虑时,某位点

上基因偏离 Hardy-Weinberg 期望比例的程度。在明党参居群中，杂合体过量位点仅为 *Dia*-1、*Pgi*-1，其它位点杂合体比率均小于期望值。对明党参所检测出的遗传变异大部分存在于居群之间，14 个多态性位点的 F_{ST} 的平均值为 0.578，即总的遗传变异有 57.8% 的变异存在于不同居群之间，而仅 42.2% 的变异存在于居群之内，表明明党参居群间已发生了明显的遗传分化。

表 6 明党参 4 个居群 14 个多态位点的 F 统计量

Table 6 Summary of *F*-statistics at 14 loci of 4 populations in *Changium smyrnioides*

LOCUS	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Aat-1	0.533	0.557	0.051
Dia-1	-0.185	-0.002	0.155
Dia-2	1.000	1.000	0.871
Idh-1	0.504	0.561	0.115
Mdh-1	0.652	0.660	0.023
Mdh-2	0.036	0.784	0.776
Me	1.000	1.000	0.832
Pgd-1	-0.062	0.061	0.115
Pgd-2	1.000	1.000	0.616
Pgd-3	1.000	1.000	0.939
Skd-1	1.000	1.000	0.038
Skd-2	1.000	1.000	0.607
Tpi-1	0.836	0.845	0.056
Tpi-2	0.744	0.749	0.018
Mean	0.583	0.824	0.578

为了进一步分析居群两两之间的遗传分化程度，计算 Nei 的遗传一致度(Nei 1978)。明党参各居群间遗传一致度(I)和遗传距离(D)列于表 7。从表中可以看出，I 值的变化范围为 0.680～0.994，D 值变化范围为 0.006～0.386，JP 与 LY 的 I 值最高为 0.994，AQ 与 HZ 的 I 值最低为 0.680，这与形态学研究和地理分布非常一致(另文发表)。

表 7 居群间遗传一致度(I)和遗传距离(D)*

Table 7 Matrix of genetic identity and distance coefficients of 4 populations

居群 Population	1 HZ	2 NJ	3 LY	4 AQ
1 HZ	-	0.125	0.132	0.386
2 NJ	0.882	-	0.006	0.293
3 LY	0.876	0.994	-	0.308
4 AQ	0.680	0.746	0.735	-

* 左下角为遗传一致度(I)，右上角为遗传距离(D)

Below diagonal : I. Above diagonal: D (Nei 1972)

3 讨 论

3.1 明党参居群遗传结构及分化特征

根据染色体及基因位点两个层次的变异水平研究结果,结合其它有关研究,对明党参的居群遗传多样性、遗传结构及濒危的原因探讨如下。

3.1.1 细胞学水平的遗传多样性

明党参的细胞学研究表明,其染色体数目恒定,基数为10,属2A核型。潘泽惠等(1995)报道了伞形科10个特有属的9个种1个变种的染色体数目及核型类型,染色体基数有 $x=6,8,10$ 和11。核型类型有2A,3A和4A三种类型。与这些种属相比,明党参属于较原始的2A类型。明党参不同居群染色体核型比较分析发现,明党参种内居群间核型存在一定程度的分化和变异,主要表现在同源染色体的杂合性和随体位置的变化。安庆及琅琊居群同源染色体相对长度差异表现突出,这种同源染色体大小差异可能与染色体断裂有一定的关系。明党参居群内两同源染色体的臂比值和染色体类型也有差异,其中安庆及杭州居群体细胞染色体中分别有两对同源染色体均由两种类型的染色体组成,同源染色体的这种杂合性被大多数学者认为是由于倒位、易位等结构变异造成的。明党参不同居群间染色体臂比值比较,变异多发生在第6、9及第10对染色体上。随体一般出现在第2、5及第8对染色体上。

3.1.2 等位酶水平的遗传多样性

据Hamrick(1989)对165个属449种植物统计结果发现,植物居群内平均多态性位点比率(P)为34%,平均期望杂合度(H_e)为0.1。明党参居群内多态位点比率平均为33.35%,接近平均值,比Hamrick(1989)统计的自交类型(20%)要高,而较长寿多年生草本平均值(39%)低。明党参的平均基因多样性指数($H_e=0.073$)比Hamrick统计的的特有种基因多样度平均值($H_e=0.096$)平均值还要低。杂合体过量位点仅13%,比濒危植物石荠苎属(*Mosla*,约14.3%)(周世良 1998)要低。4个居群 F 值($F_{IS}=0.583$; $F_{IT}=0.841$)远大于0,说明杂合度严重不足。Brown(1979)认为这种杂合度不足的主要原因是小生境的分化、授粉行为或一定程度的近交或自交造成的。从西至东南调查的居群看,杭州居群($P=42.9\%$, $H_e=0.126$)及南京居群($P=42.9\%$, $H_e=0.098$)的等位酶水平的遗传多样性高于安庆居群($P=19.0\%$, $H_e=0.023$),表现一定的经度效应。明党参基因位点分化系数 F_{ST}(58%)比自交植物(51%)平均值还要高,这就意味着明党参居群的变异主要存在于居群间。根据 F 值计算出的明党参的基因流 $N_m=0.18$, Wright(1951)指出:如果 $N_m<1$,则由于遗传漂变可导致小居群间明显分化,而遗传漂变作用加剧,遗传变异的减少,会导致居群适合度的下降。由此可见,明党参居群基因流过小是小居群分化的主要原因。影响居群间的基因流大小及居群遗传结构的因素很多,如繁育系统、分布范围、种子传播机制、演替阶段等(Hamrick 1987)。通过研究发现,明党参居群的地理分布呈间断的"岛屿"状分布,如:安庆地区仅集中分布于大龙山森林公园八步村一带,江西九江主要分布于珠岭山,杭州市主要分布于南高峰。明党参的生长对生境要求极严,多分布于海拔50~100 m的落叶阔叶林下的排水沟两边及岩石下,适宜生长的土壤为中性偏酸的黄棕

壤或石灰土壤。生境的人为破坏，限制了居群的分布范围，如江苏老山森林公园以前曾有大量的明党参分布，是当地大宗的药材，以"独峰明党"而著称，远销海内外。但近年该森林公园中已被开发为人造林的区域，明党参居群已逐渐消失，植株已退缩至难以挖掘的大岩石下。另外，明党参果实表面光滑，种子成熟时，植株渐枯呈倾斜倒伏状态，种子主要靠重力传播，传播的距离有限。由于明党参适宜生境的减小及种子传播距离的限制，居群的空间结构为典型的集群型分布。明党参的繁育系统虽为异交类型，但这种特定的地理分布及空间结构限制了居群内植株间随机交配，使小居群内植株间的近交频繁发生，与等位酶实验估计的近交系数 T(0.21)非常吻合。以上这些因素都严重影响了基因的流动，从而导致居群的基因多样性主要存在于居群间，而居群内基因多态性处于较低的水平。

明党参的花粉是伞形科中较原始的菱形花粉(佘孟兰 1987)，其核型也是演化程度较低的 2A 型，结合明党参的等位酶的遗传多样性指标分析，作者认为明党参可能曾广布于华东地区，由于气候环境的改变及生境的破坏，以及由此引起的种子适合度下降，使得居群分布范围缩小及居群间隔离距离加大，表现出显著的小居群遗传漂变，从而降低了居群内的遗传变异，减小了有效居群的大小，而不同居群间分化程度则加大。

从野外生境调查及等位酶实验看，东部居群生境人为影响小，多处于野生和半野生状态，居群内的基因流相对较大，有利于基因多样性的保持；而西部居群生境破坏程度大，居群的遗传基础简单，可用小居群遗传漂变加以解释。总的等位酶水平遗传多样性表现为东部居群比西部居群高，这与处于起源中心物种的基因多样性一般较丰富的认识并不吻合，说明了居群的遗传多样性受很多因素影响，而与起源地并不总是一致。

3.2　明党参遗传多样性的保护策略

掌握了珍稀濒危物种的遗传学结构状况，可以帮助我们制定有效的保护策略及措施。Brown & Briggs (1991)认为在就地或迁地保护取样时，要考虑等位基因的丰富程度、保持杂合性、避免近亲繁育衰退等。通过对明党参遗传多样性的研究，我们认为在就地保护时应选择遗传多样性程度高的居群，如 LY 居群和 HZ 居群。同时由于明党参 F_{ST}值偏高，遗传多样性主要保持在各居群之间，因此认为要保护较多的居群或在迁地保护时尽量在较多居群取样(每个居群可以少取样)。只有综合这两方面，才能全面保护明党参物种的遗传多样性。

致谢　本文等位酶实验部分承蒙中国科学院植物研究所系统与进化植物学开放研究实验室周世良博士指导，作者深表谢意。

参　考　文　献

Brown A D H, Briggs J D, 1991. Sampling strategies for genetic variation in *ex situ* collections of endangered plant species. In: Falk D A, Holsinger K E eds. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York, Oxford: Oxford Univ Press. 99 ~ 119

Brown A D H, 1979. Enzyme polymorphism in populations. Theoret pop Biol, 15: 40 ~ 42

Cheng Q(程翔), Huang Z-Y(黄致远), Zong S-X(宗世贤), 1993. Ecogeographical distribution, utilization and conservation on *Changium smyrnioides*. China Journal of Chinese Materia Medica (中国中药杂志), 18(6): 327 ~ 329

Du R-Q(杜荣骞), 1990. Biological Statistics. Beijing: Higher Education Press. 10 ~ 23

Hamrick J L, Godt H J W, 1989. Allozyme diversity in plant species. In: Brown A H D *et al*. eds. Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources. Sunderland, Mass: Sinauer. 43 ~ 46

Hamrick J L, 1987. Gene flow and distribution of genetic variation in plant populations. in: Urbanka K ed. Differentiaton Patterns in Higher Plants. New York: Academic Press. 53 ~ 67

Li X(李祥), Cheng J-W(陈建伟), Sun J(孙俊), 1995. Isolation, identification and quantitative analysis of water soluble active principle in the roots of *Changium smyrnioides*. Nat Prod Res Devel (天然产物研究与开发), 7(2): 1 ~ 5

Levan A, Fredga K, Sandberg A, 1964. Nomenclature for centromeric position on Chromosomes. Hereditas, 52: 201 ~ 220

Nei M, 1978. Estimation of averse heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 89: 583 ~ 590

Pan Z-H(潘泽惠), She M-L(佘孟兰), Liu X-T(刘心恬), Yao X-M(姚欣梅), 1995. On karyotypes and geographical distribution of endemic genera in Umbelliferae from China. J Pl Resour Envir(植物资源与环境), 4(3): 1 ~ 8

Pan Z-H(潘泽惠), Wu Z-J(吴竹君), Liu X-T(刘心恬), 1983. Karyotype analysis of *Changium smyronioides*. In: Bull Nanjing Bot Gard Mem Sun Yat Sen(南京中山植物园研究论文集). Jiangsu: Jiangsu Sci & Tech Press. 33 ~ 35

Sheh M-L(佘孟兰), Su P(舒璞), 1987. The floristic analysis of endemic genera in Chinese Umbelliferae. In: Bull of Nanjing Bot Gard Mem Sun Yat Sen(南京中山植物园研究论文集). Jiangsu: Jiangsu Sci & Tech Press. 14 ~ 23

Soltis D E, Haufler C H, Darrow D C *et al*., 1983. Starch gel electrophoresis of ferns: A compilation of grinding buffers, gel and electrode buffer, and staining schedules. Amer Fern J, 73(1): 9 ~ 29

Stebbins G L, 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants. London: Edward Arnold. 87 ~ 90

Su P(舒璞), Sheh M-L(佘孟兰), 1990. Study on pollen morphology of endemic genera in Chinese Umbelliferae. In: Bull of Nanjing Bot Gard Mem Sun Yat Sen(南京中山植物园研究论文集). Jiangsu: Jiangsu Sci & Tech Press. 33 ~ 35

Swofford D L, Selander R B, 1981. BIOSYS-1, A FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. J Heredity, 72: 281 ~ 283

Wright S, 1951. The genetical structure of populations. Ann Eugen, 15: 323 ~ 354

Wang Z-R(王中仁), 1996. Plant Allozyme Analysis(等位酶分析). Beijing: Science Press. 37 ~ 72

Wang H-X(王洪新), Hu Z-A(胡志昂), 1996. Plant breeding system, genetic structure and conservation of genetic diversity. Chinese Biodiversity(生物多样性), 4(2): 92 ~ 96

Zhang W-P(张维平), 1991. Conservation and study of endangered plant(珍稀濒危植物的保护和研究). Beijing: China Environment Science Press. 187 ~ 188

Zhou S-L(周世良), Zhang F(张方), Wang Z-R(王中仁), Hong D-Y(洪德元), 1998. Genetic diversity of *Mosla hangchouensis* and *M. chinensis* (Labiatae). Acta Genet Sin(遗传学报), 25(2): 173 ~ 180